

## Interaction entre le métabolisme azoté et la résistance du riz à la pyriculariose

T. N'guyen<sup>a</sup>, E. Ballini<sup>a</sup>, D. Tharreau<sup>b</sup>, J.-L. Nottoghem<sup>a</sup> et J.-B. Morel<sup>c</sup>

<sup>a</sup>Montpellier SupAgro, UMR BGPI - TA A-54/K Equipe riz, Campus International de Baillarg, 34398 Montpellier Cedex 5, France, Metropolitan; <sup>b</sup>CIRAD, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France; <sup>c</sup>Inra, UMR BGPI, Campus de Bailarguet, TA A 54/K, 34398 Montpellier, France  
ballini@supagro.inra.fr

L'intensification des pratiques agricoles, et notamment la fertilisation minérale azotée, influent sur l'expression de la résistance des plantes. Une mauvaise gestion de la fertilisation azotée peut entraîner dans certaines situations des pertes élevées en favorisant le développement d'agents pathogènes. Bien que ce phénomène ait été couramment observé au champ, peu de preuves ont été établies au niveau moléculaire d'une interaction entre les voies de défense et un des mécanismes majeur dans la productivité des céréales, le métabolisme azoté.

La pyriculariose est une maladie du riz provoquée par l'ascomycète *Magnaporthe oryzae*. Cette interaction modèle peut nous permettre de comprendre quels sont les mécanismes responsables de l'affaiblissement de la résistance du riz dans un système de culture intensif avec un haut niveau d'apport azoté.

Pour répondre à cette question, deux approches complémentaires sont utilisées : L'étude du contrôle génétique de la sensibilisation du riz par l'azote avec comme objectif la cartographie de QTL impliqués dans ce mécanisme. Le suivi de l'expression de gènes candidats impliqués dans les mécanismes de défense et du métabolisme azoté au cours des phases précoces de l'interaction.

Les premiers résultats de cartographie génétique ont permis de mettre en évidence un QTL sur le chromosome 1 qui provoque une sensibilité accrue des variétés de riz en présence d'azote. Ce QTL contient plusieurs gènes candidats intéressants ayant un rôle dans la défense chez le riz : un cluster de NBS-LRR, un cluster de LRR-kinases de type Xa21 et un régulateur des défenses homologue à PMR4. Le QTL contient également plusieurs gènes importants pour le métabolisme azoté comme le gène *OsFBT1* codant pour une F-box induite lors de stress azoté et le gène codant pour la NADH glutamate synthase *OsGLT1*. Ce gène est un composant important pour la remobilisation de l'azote et le remplissage des grains et est considéré comme un candidat intéressant pour l'amélioration de la NUE (Nitrogen Use Efficiency) chez les céréales. Une cartographie plus fine est en cours pour réduire le nombre de gènes candidats pour ce QTL et permettre de poser de nouvelles hypothèses.

L'approche moléculaire a quant à elle permis de mettre en évidence une répression partielle du système de défense du riz dans les jours suivant un apport excessif en azote. En particulier, les gènes de défense PR comme *PBZ1* classiquement utilisés pour suivre le niveau d'expression de l'arsenal suggèrent qu'une répression transcriptionnelle d'une partie de l'arsenal aurait lieu. Cette répression des systèmes de défense pourrait expliquer une partie de l'augmentation de la sensibilité après un apport azoté.